

MODÉLISATION DÉTERMINISTE EN PROTECTION DES CULTURES: OBJECTIFS, DIFFICULTÉS ET PERSPECTIVES

Serge SAVARY

Les méthodes d'analyse de données utilisées en protection des cultures sont très nombreuses. Elles s'adressent à différents thèmes:

- la description des contraintes phytosanitaires dans le temps,
- la description des contraintes phytosanitaires dans l'espace,
- la prédiction de l'évolution des contraintes,
- la prédiction de l'effet des contraintes, c'est-à-dire, les pertes de récolte,
- l'analyse du système culture/contrainte.

Au cours de cette présentation, l'accent sera mis sur l'un des domaines où ces méthodes sont les plus appliquées, celui des pertes de récoltes, et spécialement sur l'une des approches disponibles, la modélisation déterministe.

Il est peut-être utile ici de donner quelques indications sur le statut général de ces techniques, et en particulier sur celui de la modélisation déterministe, dans le domaine de l'étude des pertes de récoltes. D'une manière très générale, ce sont les techniques de modélisation fixes qui prédominent largement, avec plusieurs types de régression, qui relient la perte de récolte au(x) niveau(x) de la contrainte considérée. Ces mé-

thodes sont relativement simples, efficaces, et très largement répandues; elles sont extrêmement utiles pour résumer l'information acquise au cours d'une expérimentation, et elles présentent souvent aussi une très bonne valeur prédictive (cette valeur dépend surtout des conditions dans lesquelles les données ont été acquises et du domaine dans lequel la prédiction doit être effectuée). Elles constituent, de ce fait, le corps des techniques utilisées en protection des cultures. Il demeure, cependant, que ces méthodes n'ont de valeur explicative que très limitée. C'est pourquoi d'autres techniques sont nécessaires pour aborder le volet explicatif de l'analyse des pertes de récoltes.

Une perte de récolte résulte d'une interaction continue entre une culture et une population de parasites ou de ravageurs, à un niveau donné de productivité. Les phytopathologistes évoquent souvent le triangle culture-maladie-environnement pour schématiser ces interactions. Il s'agit, en fait, d'un processus se déroulant au sein d'un système extrêmement complexe, et qui, pour cette raison, se prête assez bien à une approche globale, orientée vers l'élaboration de modèles de simulation dynamiques.

Les objectifs des modèles de simulation en protection des végétaux sont assez variés:

- analyse et synthèse de données sur la dynamique des contraintes (population de parasites ou de ravageurs)
- prédiction du niveau d'une contrainte,
- assistance à la sélection de variétés résistantes,
- assistance à l'emploi de pesticides,
- analyse des processus aboutissant aux pertes de récoltes,
- prédiction des pertes de récolte.

Il convient d'ajouter ici que cette approche constitue un cadre extrêmement utile pour l'optimisation des travaux dans le cadre d'un projet de recherches donné.

Les premiers modèles de simulation publiés dans le domaine de la protection des cultures sont assez anciens (Zadoks, 1971; Waggoner et al., 1972). Mais la progression de cette approche dans ce domaine de recherches a été, et est toujours, assez lente. Elle a été exposée à des critiques parfois extrêmement vives, mais souvent justifiées (Vanderplank, 1975). En réalité, de nombreuses difficultés sont rencontrées pour l'élaboration de tels modèles, et je voudrais tenter de les résumer, en m'appuyant sur un modèle de simulation qui est en cours de développement, sur la rouille de l'arachide.

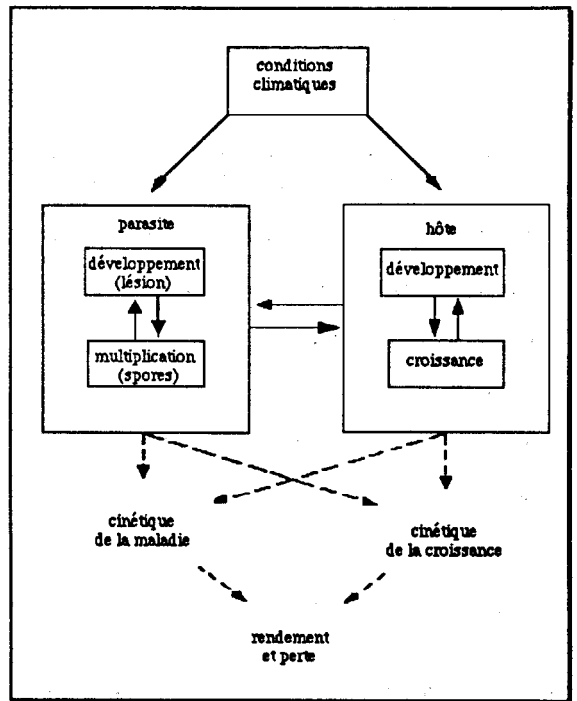
Les principales étapes du développement d'un modèle de simulation dynamique sont les suivantes (Teng, 1985; Teng & Bowen, 1985; Zadoks & Rabbinge, 1985):

- définition des éléments et des limites du système considéré,
- définition des constantes de temps des processus inclus dans le système et choix d'un intervalle d'intégration,
- élaboration d'un schéma initial du modèle,
- élaboration du schéma définitif et du programme de simulation,
- paramétrage du modèle
- initialisation du programme,
- estimation des paramètres et analyse de sensibilité,
- évaluation du modèle
- vérification
- validation.

I DÉFINITION DU SYSTEME CONSIDÉRÉ

La définition des limites du système que l'on souhaite modéliser constitue, en soi, une hypothèse initiale lourde de conséquences. En protection des cultures, le système considéré est constitué de deux sous unités: la culture et le parasite (Figure 1). Les premiers modèles, parce qu'ils étaient théoriques (Zadoks, 1971) ne spécifiaient pas toujours les dimensions physiques du système: on considérait une unité arbitraire de surface de la culture. En pratique c'est, le plus souvent, une unité de 1m² qui est envisagée, lorsqu'une culture de plein champ est envisagée (Waggoner et al., 1972; Rapilly & Jolivet, 1976), mais il est également possible de choisir une plante individuelle (Teng et al., 1980). Le choix de la dimension de l'unité simulée comporte l'hypothèse implicite d'une homogénéité des unités dans la culture, quelque soit l'attribut envisagé pour les comparer. Ce choix doit donc, notamment, tenir compte de la structure spatiale de la population de parasites ou de ravageurs, et de ses flux de dispersion.

Figure 1. Schéma général d'un modèle de simulation en protection des cultures. Le modèle comporte deux sous-unités : la contrainte phytosanitaire et l'hôte. Les fonctions de couplage, de même que le détail donné à chaque unité, dépendent des objectifs du modèle. Le modèle est alimenté par un ensemble de fonctions directrices, principalement climatiques, et de paramètres propres à l'hôte (caractéristiques du développement, paramètres physiologiques, caractéristiques de sensibilité à la contrainte phytosanitaire) ou au parasite.

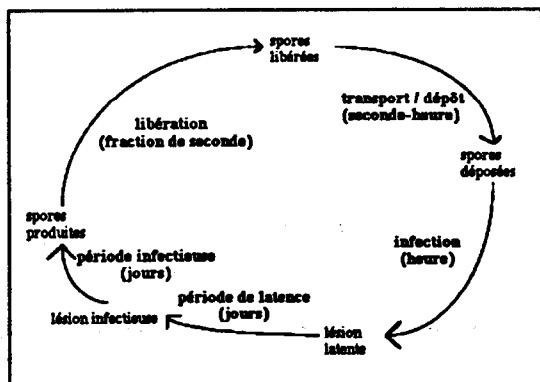


Le modèle qui doit être élaboré comporte donc un ensemble de processus qui se réfèrent soit à la population de l'hôte (la culture), soit à celle du parasite ou ravageur. Ces populations comprennent des niveaux d'intégration plus simples: les niveaux de l'individu (représentés par une plante individuelle, un insecte, ou une lésion), cellulaire et moléculaire. Chaque niveau d'intégration peut être considéré comme explicatif du niveau qui lui est immédiatement supérieur en complexité (Zadoks & Schein, 1979). Ainsi, pour expliquer la dynamique de la population de l'hôte et du parasite, c'est respectivement la plante individuelle et la lésion qui ont été choisies comme niveau explicatifs dans un modèle de simulation des épidémies de rouille de l'arachide. Il est apparu rapidement plus logique de rapporter ces sous-systèmes à une unité physique commune, c'est-à-dire $1m^2$ de culture.

II. CONSTANTES DE TEMPS ET INTERVALLE D'INTÉGRATION

L'échelle des niveaux d'intégration correspond généralement à une échelle de temps; plus le niveau est complexe, plus l'unité de temps qui permet de le décrire est grande. Cependant les processus qui se développent à un niveau donné peuvent présenter de grandes variations. Ainsi, dans le cas du cycle de multiplication de la rouille de l'arachide, on rencontre des processus dont les constantes de temps sont extrêmement différentes (de la fraction de seconde à la journée, Figure 2).

Figure 2. Représentation schématisée du cycle de la rouille de l'arachide. Les étapes décrites se situent au niveau d'intégration choisi pour la construction du modèle: celui de la lésion individuelle (et de la spore). Les constantes de temps correspondant aux différentes étapes varient très fortement en ordre de grandeur.



En pratique, l'intervalle d'intégration choisi est, le plus souvent, tributaire de la fréquence des données météorologiques qui seront utilisées pour le fonctionnement du modèle. Si un intervalle de une journée est choisi, on est alors amené à décrire les processus dont les constantes de temps sont inférieures à un jour sous la forme d'un résumé quotidien, qui leur attribue un taux moyen en fonction des conditions climatiques quotidiennes (Zadoks, 1971; Waggoner et al., 1972).

III. SCHÉMA INITIAL DU SYSTEME

III.1 L'HOTE

Le schéma de base pour la modélisation de la culture est souvent du type de celui représenté dans la figure 3 (Rabbinge & Rijdsdijk, 1981), avec une représentation sommaire de la photosynthèse, et des taux de répartition vers les différents types d'organes des plantes. Ces taux sont fonction de coefficients de partition, qui eux-même dépendent du stade de développement de la culture.

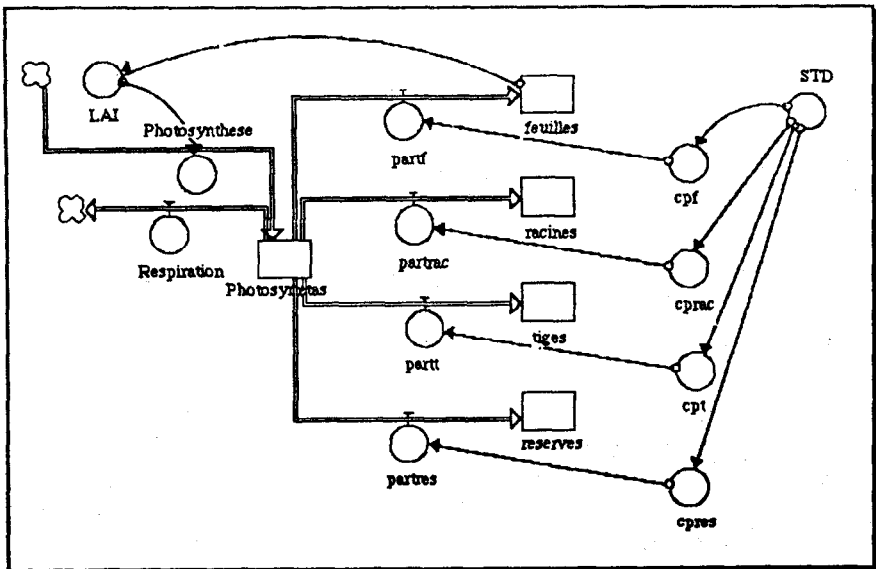


Figure 3. Architecture générale d'un modèle résumé de croissance et de développement d'une culture, couplable avec un modèle de contrainte.

III.2 LA CONTRAINTE PHYTOSANITAIRE

Les schémas utilisés pour représenter le développement et la croissance de la population de parasites ou de ravageurs sont beaucoup plus variés. Ils ont tous, cependant, en commun de comporter des enchaînements de stades successifs, qui représentent le développement de la population, qu'il s'agisse de stades de développement d'insectes (oeufs, stades larvaires, imagos) ou de lésions dues à un agent pathogène (lésion latente, infectieuse ou éliminée; Figure 4). Il s'agit donc de simuler dans le temps l'évolution d'une cohorte d'individus au travers d'une série de stades successifs. Au cours du passage d'un stade à un autre, un délai variable peut s'écouler, accompagné d'une dispersion des individus quant au délai requis pour ce transfert, et avec une certaine mortalité. Ce type de processus, typique du domaine biologique, peut être représenté en considérant, entre chaque stade envisagé, un train de stades fictifs (boxcar); la longueur de ce train de stades intermédiaires permet de rendre compte de la durée du transfert, de la dispersion et de la mortalité qui s'y produisent.

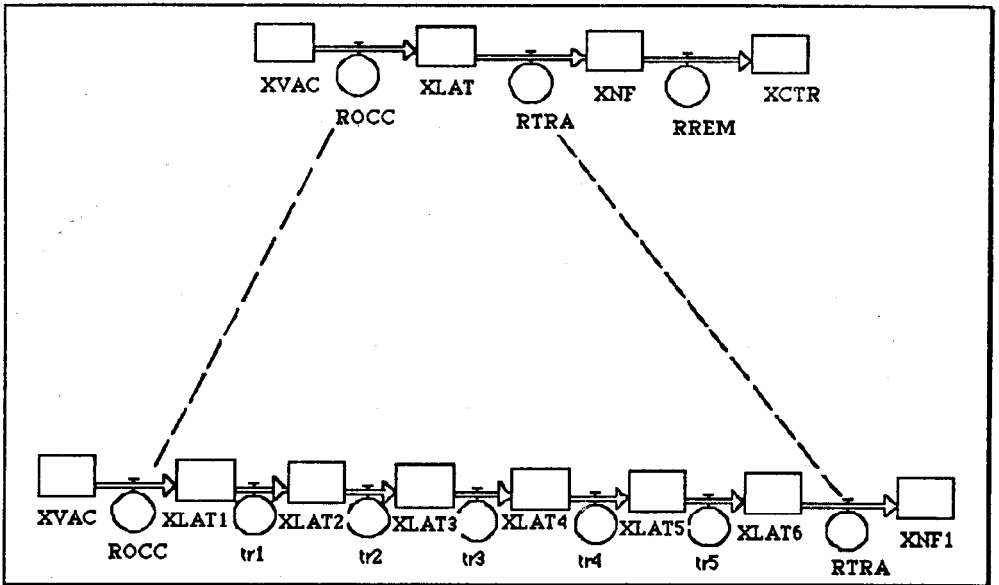


Figure 4. Modélisation des différentes étapes du développement d'un agent de contrainte phytosanitaire. La plupart des modèles de simulation comportent de tels chaînages de stades de développement. Ils font souvent appel à une représentation en trains de stades (boxcar train) pour rendre compte des délais de développement, de la dispersion des individus au cours du développement, et de la mortalité au cours du développement (non représenté).

III.3 COUPLAGE

Pour réaliser la fusion d'un modèle de croissance et de développement d'une culture avec un modèle de simulation d'une contrainte phytosanitaire, une première difficulté à surmonter est la différence entre les unités qui sont utilisées pour mesurer les variables d'état des deux modèles; en effet, un modèle de culture emploiera, par exemple, des biomasses d'organes, ou des surfaces de feuilles, tandis que la simulation d'une contrainte phytosanitaire fait plus souvent intervenir des nombres d'individus (nombres de lésions, d'insectes, par m^2). Ce couplage d'unités peut être effectué en utilisant dans le modèle des fonctions de conversion, ou coupleurs. La figure 5 représente le schéma d'un couplage entre un modèle simulant la croissance d'un couvert végétal comportant trois strates successives, couplé à la dynamique d'une contrainte phytosanitaire (par exemple un champignon foliaire), dont le cycle comporte trois stades successifs. Les fonctions de conversion assurent le passage de l'un à l'autre en considérant le nombre de spores produite par unité de surface foliaire parasitée ($N_{\text{parasite}} \cdot m^{-2}$; dans le sens hôte-parasite) et la surface

foliaire occupée par une colonie du parasite ($m^2 \cdot N_{\text{parasite}}^{-1}$; dans le sens parasite-hôte).

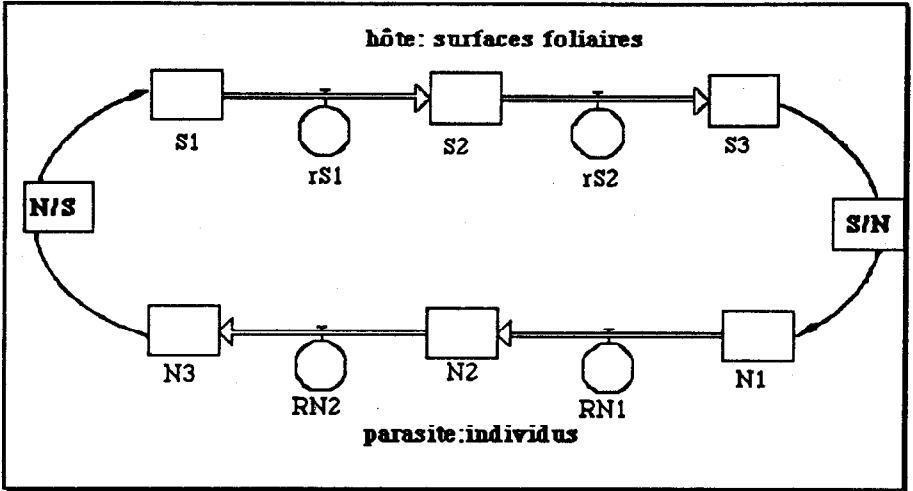


Figure 5. Schéma général du couplage entre deux sous-unités (Zadoks & Rabbinge, 1985) Le couplage élémentaire entre les modèles de la culture et de la contrainte phytosanitaire doit permettre une conversion entre les unités des variables d'état. Dans cet exemple, le couplage dans le sens culture-contrainte s'effectue en considérant le nombre de spores produites par unité de surface parasitée, et dans le sens contrainte-culture, en considérant la surface occupée par une lésion créée par le parasite.

Le couplage entre les deux modèles constitue une étape cruciale de l'élaboration du modèle final. Il convient de noter ici qu'il est nécessaire de rechercher un équilibre entre le détail apporté à la modélisation de la contrainte phytosanitaire, et celui avec lequel la culture est décrite; un modèle phytopathologique très détaillé, par exemple, serait mal valorisé par un modèle de croissance de la culture trop sommaire. Selon l'objectif qui est poursuivi, le détail à apporter dans cette section du modèle variera. S'il s'agit d'un modèle préliminaire de dynamique de population, une modélisation sommaire de la croissance de l'hôte sera suffisante, et des fonctions de couplage très simples, du type de la figure 5 pourront être utilisées. Si, au contraire, c'est une modélisation tournée vers la simulation des pertes de récolte qui est envisagée, alors des fonctions beaucoup plus complexes de couplage devront être établies, qui font intervenir le concept de dommage occasionné à la culture.

La perte de récolte occasionnée par une contrainte phytosanitaire à une culture peut être attribuée à un ensemble des dommages, qui chacun représentent une perturbation du processus d'élaboration du rendement. Chaque dommage peut être rapporté à un type donné (Boote et al., 1983; Tableau 1), selon la contrainte en cause. Pour que chaque type de dom-

mage puisse être simulé, il est nécessaire que les mécanismes physiologiques de l'élaboration du rendement qui sont affectés soient décrit en détail; en réalité, de tels modèles, où un équilibre est réalisé entre le détail donné au modèle de l'hôte et celui du parasite, sont très rares.

Tableau 1. Typologie des dommages occasionnés aux cultures par les contraintes phytosanitaires (liste simplifiée et non exhaustive; selon Boote et al., 1983).

Type de dommage	exemples de contraintes				
	champignon		insecte	nématode	virus
	biotrophe-nécrotrophe		suceur-défoliateur-autre		
réduction de la population de plantes			+		+
réduction du taux de photosynthèse	+		+		+
accélération de la sénescence foliaire	+				
réduction du rayonnement intercepté	+	+	+	+	+
détournement du flux de photosynthétats		+		+	+
consommation directe de tissus			+		+
réduction de turgescence	+		+	+	+

Dans le cas de la rouille de l'arachide, trois types, au moins, de dommages peuvent être considérés:

- une réduction de la surface photosynthétisante due à la colonisation du feuillage par les lésions,
- un détournement de photosynthétats vers la croissance des colonies du parasite et la production de spores,
- une dérégulation de l'équilibre hydrique au niveau de la feuille.

Pour que ces dommages puissent être simulés, il est donc nécessaire que le modèle de l'hôte comprenne une description détaillée de la photosynthèse, et de l'alimentation hydrique de la plante; le modèle actuel ne permet de prendre en compte que les deux premiers types de dommages envisagés.

Une solution parfois appliquée consiste à incorporer à un modèle de simulation dynamique d'une contrainte phytosanitaire un modèle fixe de régression multiple à partir duquel une estimation du rendement ou de la

perte de rendement est effectuée (Teng et al., 1977). Ce raccourci permet d'éviter une grande partie des difficultés rencontrées dans le couplage de deux modèles, mais le modèle résultant a perdu une grande partie de sa souplesse et de sa valeur explicative.

IV. SCHEMA DÉFINITIF

La figure 6 représente l'architecture actuelle d'un modèle de simulation des épidémies de rouille de l'arachide. Il comporte deux sous-modèles couplés, l'un pour la croissance et le développement de la culture, l'autre pour le développement et la multiplication des lésions. Bien que ce modèle ait été développé dans la perspective de simuler une perte de récolte, s'agit encore, essentiellement, d'un modèle de dynamique parasitaire.

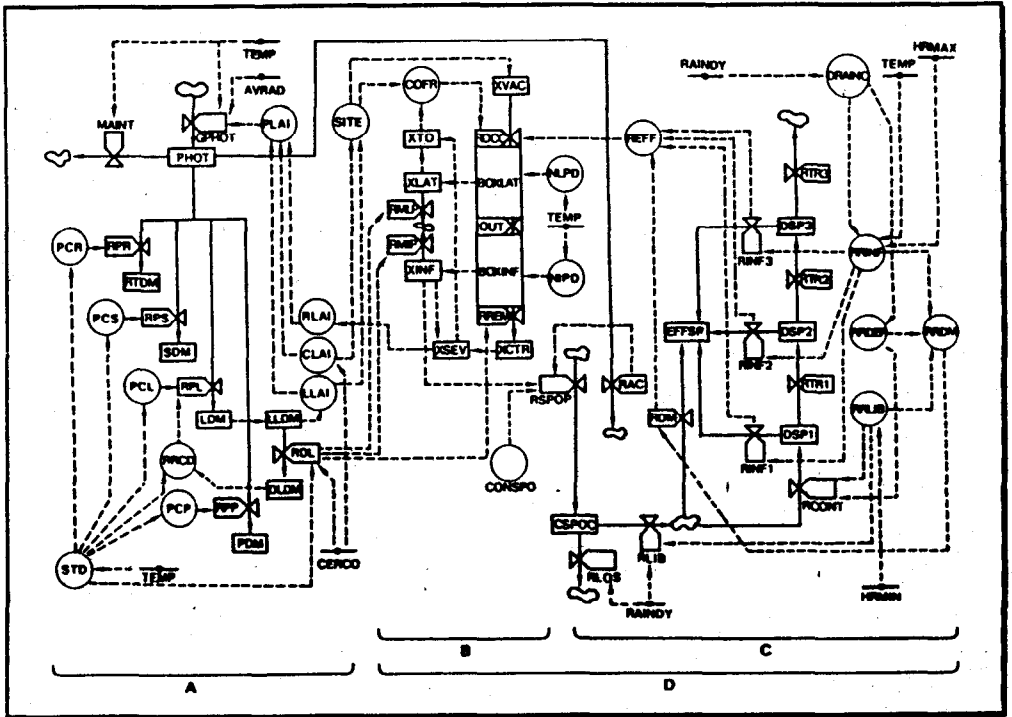


Figure 6. Architecture générale d'un modèle de simulation de la rouille de l'arachide. Le modèle comporte une unité (A) représentant la croissance et le développement de la culture, et une unité (D) représentant la contrainte, laquelle se subdivise en une sous-unité pour le développement des lésions (B), et une sous-unité pour leur multiplication (spores, C).

Les rectangles représentent des variables d'état, reliées par des flux (flèches continues); le modèle fait intervenir des variables complémentaires (cercles), et des flux d'informations (flèches discontinues) qui commandent leurs variations et leurs effets sur les variables d'états. A chaque intervalle d'intégration (1 jour) l'état du système est réévalué en fonction des règles internes du modèle, et des variations des conditions d'environnement, représentées par des fonctions directrices (barres horizontales marquées d'un point).

Le modèle du parasite est fondé sur un ensemble de données expérimentales acquises soit en laboratoire (développement des lésions), soit en plein champ (dispersion). Le modèle de l'hôte est un modèle sommaire (SUCROS; Van Keulen et al., 1982) qui permet de simuler la croissance et le développement de l'arachide dans des conditions optimales de culture, c'est-à-dire, en l'absence de tout stress hydrique ou nutritionnel. Pour cette raison, il n'est donc possible de prendre en compte qu'une partie seulement des dommages occasionnés à la culture par la maladie. Il convient également de noter que ce modèle comprend également quelques fonctions de couplage permettant de relier le modèle de l'hôte à celui d'une autre maladie importante de l'arachide, la cercosporiose (qui est introduite dans le modèle sous forme d'une fonction directrice).

V. PARAMÉTRAGE DU MODELE

V.1 PARAMETRES INTERNES DU MODELE

Le tableau 2 fournit un exemple de données qui peuvent être directement incorporées dans le modèle sous forme de fonctions. Il s'agit, ici, de résultats concernant le déroulement de différentes étapes du cycle parasitaire de la rouille de l'arachide en fonction de la température. Au cours de l'élaboration du modèle, un équilibre doit être trouvé entre les travaux expérimentaux destinés à fournir les paramètres nécessaires et les travaux de modélisation proprement dit. En principe, c'est par le biais d'une analyse de sensibilité que la précision requise pour la mesure des paramètres est définie. En pratique, cependant, certains paramètres ne peuvent être estimés qu'avec une précision très faible, inhérente au matériel étudié.

températures (°C)							
	18	22	24,5	25,5	27	28,5	30
G	11,6	40,0	57,0	62,7	78,5	67,0	14,0
EI	0,29	0,28	0,34	0,27	0,27	0,11	0
L	29,5	12,5	11,3	11,0	10,5	11,3	-
I	13,5	21,6	-	-	26,5	12,9	-
SP	460	17000	-	-	40500	11300	-

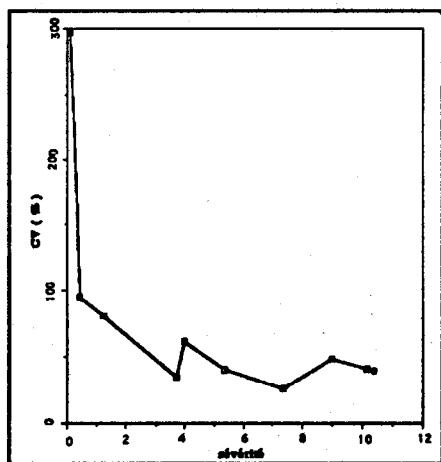
Tableau 2. Effets de la température sur le développement de la rouille de l'arachide (chez une variété sensible). - G : germination des spores [%],

EI : efficacité des infections [lésion.spore-1], - L : durée de la période de latence [jour], - I : durée de la période infectieuse [jour], - SP : intensité cumulée de sporulation [spore.lésion-1].

V.2 INITIALISATION

L'évaluation de l'état initial d'un système peut parfois causer des difficultés, et c'est en particulier le cas pour les contraintes phytosanitaires. En effet, l'initialisation du modèle doit comporter une valeur initiale de la population de parasite; dans une perspective de validation, ce paramètre a une très grande importance, mais sa mesure dans les conditions du champ s'accompagne le plus souvent d'une très forte imprécision, comme l'indique la figure 7.

Figure 7. Evolution du coefficient de variation de la sévérité de rouille en fonction de la sévérité observée. Lorsque la sévérité est inférieure à 1% (abscisses), c'est-à-dire, au début d'une épidémie, le coefficient de variation est habituellement supérieur à 100%.



VI EVALUATION DU MODELE

L'évaluation du modèle obtenu peut être effectuée en plusieurs étapes:

- vérification
- validation
- analyse du comportement du modèle.

L'étape de vérification peut consister en un simple contrôle du programme lui-même. Pour vérifier si le programme exécute bien les instructions dans l'ordre souhaité et selon les règles définies, il est souvent utile de l'alimenter avec des jeux de données factices susceptibles de mettre en évidence d'éventuelles incohérences.

La validation consiste à confronter le modèle, alimenté avec des jeux de données (climatiques, principalement), à des données réelles. Un exemple d'une telle confrontation est donné dans la figure 8, pour le modèle de simulation de la rouille de l'arachide. S'il s'agit d'un modèle comportant une simulation de croissance de l'hôte couplée à celle de la contrainte phytosanitaire, il est utile de tester simultanément des variables de sortie représentant ces deux unités. L'exemple donné indique que les simulations sont acceptables en termes de pentes des courbes et de valeurs maximales atteintes, mais sont loin d'être parfaites. En particulier, le modèle tend à surestimer la croissance de l'hôte - ce qui est logique, s'agissant d'un modèle de croissance dans des conditions optimales.

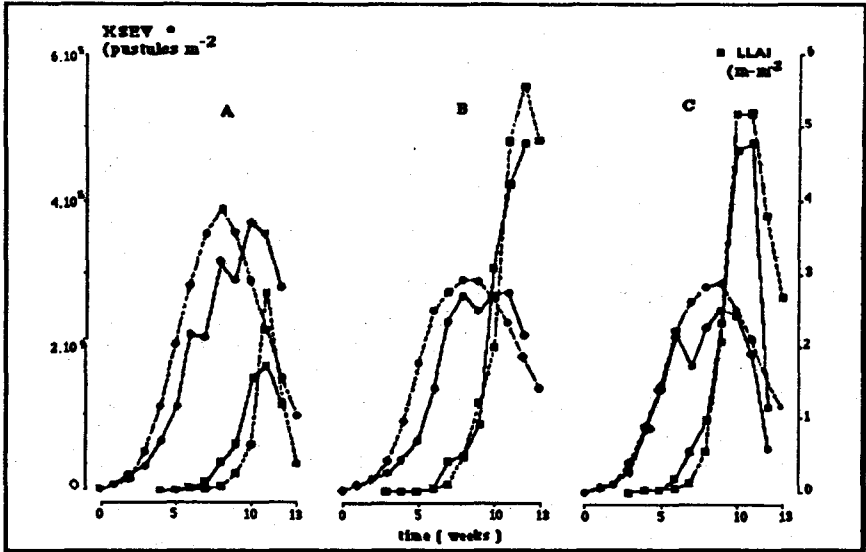


Figure 8. Evaluation d'un modèle de simulation des épidémies de rouille de l'arachide. Comparaison des courbes d'épidémie et de croissance du couvert simulées (traits discontinus) et observées (traits continus) au cours de trois essais d'observation.

La méthodologie qui est mise en oeuvre pour la validation de modèles de simulation de contraintes phytosanitaires est peu développée (Teng, 1981). Certainement, beaucoup serait à acquérir auprès de disciplines étrangères à la protection des cultures, où ces méthodes sont largement utilisées et codifiées.

La validation des modèles de simulation dans le domaine de la protection des cultures se heurte notamment à deux difficultés:

- l'acquisition de données fraîches, indépendantes de la construction du modèle, est souvent extrêmement fastidieuse. Dans de nombreux cas de modèles publiés, la qualité de la validation souffre du manque de données disponibles, recueillies spécialement dans ce but;
- les modèles de simulation des contraintes elles-mêmes (dynamique de populations d'insectes ou d'agents pathogènes) sont souvent extrêmement complexes; ce domaine est trop peu développé encore pour que des normes quant à l'architecture générale de ces modèles aient été largement acceptées et se soient répandues. Cette absence de transparence rend souvent leur évaluation très difficile.

En réalité, la complexité du système envisagé rend parfois illusoire l'espoir d'obtenir des simulations d'une précision élevée, sans la mise en

oeuvre de modèles sophistiqués, et de ce fait, peu transparents. Il peut, alors, s'avérer très utile de mettre en oeuvre des modèles simplifiés, peu ambitieux dans la précision de leurs simulations, mais suffisamment clairs pour qu'un jeu d'hypothèses facilement identifiable puisse y être incorporé, et testé.

Ainsi, dans certains cas, des travaux qui s'apparentent, dans leur démarche, à une analyses de sensibilité, peuvent revêtir la valeur d'une validation. La figure 9 représente les résultats d'une analyse de l'effet de différentes composantes de résistance sur la dynamique des épidémies de rouille de l'arachide. Cette analyse indique une hiérarchie claire entre quatre paramètres du modèle qui représentent, ensemble, le niveau de résistance d'une variété donnée. Ce résultat se trouve, par ailleurs, être en accord avec des expérimentations de laboratoire ou de plein champ; ce qui suggère qu'un tel modèle pourrait apporter une assistance dans la sélection des géniteurs et des variétés pour la résistance à la maladie.

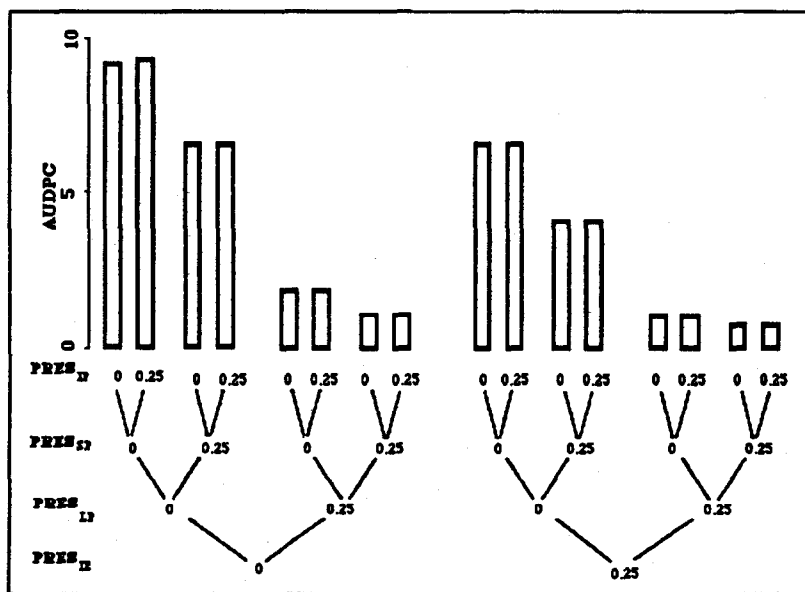


Figure 9. Comparaison des effets des variations des composantes de résistance sur les épidémies de rouille de l'arachide. Les composantes de résistance ($RRES_{1E}$, $RRES_{1P}$, $RRES_{SP}$ et $RRES_{1P}$) sont des paramètres du modèle. Les épidémies sont représentées par des aires sous les courbes de sévérité simulées (AUDPC). L'effet de $RRES_{1P}$ est très fort.

VII BIBLIOGRAPHIE

- BOOTE, K.J., JONES, J.W., MISHOE, F.W. & BERGER, R.D., 1983. Coupling pests to crop growth simulators to predict yield reductions. *Phytopathology* 73: 1581-1587.
- RABBINGE, R. & RIJSDIJK, F.H., 1981. Disease and crop physiology: a modeller's point of view. In: effects of disease on the physiology of the growing plant. P.J. Ayres, Ed. Cambridge Univ. Press, Cambridge pp. 201-220.
- RAPILLY, F. & JOLIVET, E., 1976. Construction d'un modèle, EPISEPT permettant la simulation d'une épidémie de *Septoria nodorum* Berk. sur blé. *Revue de Statistiques Appliquées* 24: 31-60.
- TENG, P.S., 1985. A comparison of simulation approaches to epidemic modelling. *Annu. Rev. Phytopathol.* 23 : 351-379.
- TENG, P.S., 1981. Validation of computer models of plant disease epidemics: a review of philosophy and methodology. *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz* 88: 49-63.
- TENG, P.S., BLACKIE, M.J. & CLOSE, R.C., 1977. A simulation analysis of crop yield loss due to rust disease. *Agric. Syst.* 2: 189-198.
- TENG, P.S., BLACKIE, M.J. & CLOSE, R.C., 1980. Simulation of the barley leaf rust epidemic: structure and validation of BARSIM I. *Agric. Syst.* 5: 85-103.
- TENG, P.S. & BOWEN, K.L., 1985. Disease modelling and simulation. In: *The cereal rusts* Vol. II . A.P. Roelfs & W.R. Bushnell, Eds. Academic Press, New York pp 435-466.
- VANDERPLANK, J.E., 1975. Principles of plant infection. Academic Press. New York. London, 216 p.
- VAN KEULEN, H., PENNING DE VRIES, F.W.T. & Drees, E.M., 1982. A summary model for plant growth. In: *Simulation of plant growth and crop production*. F.W.T. Penning de Vries & H.H. Van Laar, Eds. Pudoc, Wageningen pp 87-97.
- WAGGONER, P.E., HORSFALL, J.G. & LUKENS, R.J., 1972. EPIMAY, a simulator of southerncorn leaf blight. *Bull. Connecticut Agr. Exp. Sta.*, New Haven, N°279, 84 p.
- ZADOKS, J.C., 1971. Systems analysis and the dynamic of epidemics. *Phytopathology* 61: 600-610.
- ZADOKS, J.C. & RABBINGE, R., 1985. Modelling to a purpose. In: *Advances in plant pathology*. Vol. 3. *Mathematical modelling of crop diseases*. C.A. Gilligan, Ed. Academic Press, London pp 231-244.
- ZADOKS, J.C. & SCHEIN, R.D., 1979. *Epidemiology and plant disease management*. Oxford University Press. New York 427 p.